

[illegible][illegible]

FIGURE 97

GCAACCTCAGCTTCTAGTATCCAGACTCCAGCGCCGCCCCGGGCGCGGACCCCCAACCCCGAC
CCAGAGCTTCTCCAGCGGCGGCGCAGCGAGCAGGGCTCCCCGCCTTAACCTTCTCCGCGGGG
CCCAGCCACCTTCGGGAGTCCGGGTTGCCACCTGCAAACCTCTCCGCCTTCTGCACCTGCCA
CCCCTGAGCCAGCGCGGGCCCCCGAGCGAGTCAATGGCCAACGCGGGGCTGCAGCTGTTGGGC
TTCATTCTCGCCTTCTCTGGGATGGATCGGCGCCATCGTCAGCACTGCCCTGCCCCAGTGGAG
GATTTACTCCTATGCCGCGACAACATCGTGACCGCCCAGGCCATGTACGAGGGGCTGTGGA
TGTCTTGCCTGTCGCAGAGCACCGGGCAGATCCAGTGCAAAGTCTTTGACTCCTTGCTGAAT
CTGAGCAGCACATTGCAAGCAACCCGTGCCCTTGATGGTGGTTGGCATCCTCCTGGGAGTGAT
AGCAATCTTTGTGGCCACCGTTGGCATGAAGTGATGAAGTGCTTGGAAGACGATGAGGTGC
AGAAGATGAGGATGGCTGTCAATTGGGGGTGCGATATTTCTTCTTGACGGTCTGGCTATTTTA
GTTGCCACAGCATGGTATGGCAATAGAATCGTTCAAGAATCTATGACCCATGACCCAGT
CAATGCCAGGTACGAATTTGGTGAGGCTCTCTTCACTGGCTGGGCTGCTGCTTCTCTCTGCC
TTCTGGGAGGTGCCCTACTTTGCTGTTCTGTCCCCGAAAAACAACCTCTTACCCAACACCA
AGGCCCTATCCAAAACCTGCACCTTCCAGCGGGAAAGACTACGTGTGACACAGAGGCCAAAAG
GAGAAAATCATGTTGAAACAAACCGAAAATGGACATTGAGATACTATCATTAACATTAGGAC
CTTAGAATTTTGGGTATTGTAATCTGAAGTATGGTATTACAAAACAAACAAACAAAAA
ACCCATGTGTTAAATACTCAGTGCTAAACATGGCTTAATCTTATTTTATCTTCTTCTCTCA
ATATAGGAGGGAAGATTTTTCATTTGTATTACTGCTTCCCATTGAGTAATCATACTCAAAT
GGGGGAAGGGGTGCTCCTTAAATATATATAGATATGTATATATACATGTTTTTCTATTA
ATAGACAGTAAATACTATTCTCATTATGTTGATACTAGCATACTTAAATATCTCTAAAT
AGGTAAATGTATTTAATTCCATATTGATGAAGATGTTTATTGATATTTTCTTTTCTGTC
TTATATACATATGTAACAGTCAAATATCATTTACTCTTCTTCATTAGCTTTGGGTGCCCTTG
CCACAAGACCTAGCCTAATTTACCAAGGATGAATTCTTTCAATTCTTCATGCGTGCCCTTTT
CATATACTTATTTTATTTTTTACCATAATCTTATAGCACTTGCATCGTTATTAAGCCCTTAT
TTGTTTTGTGTTTCATTGGTCTCTATCTCCTGAATCTAACACATTTCATAGCCTACATTTTA
GTTTCTAAAGCCAAGAAGAATTTATTACAAATCAGAACTTTGGAGGCAAATCTTCTGCATG
ACCAAAGTGATAAATTCCTGTTGACCTTCCCACACAATCCCTGTACTCTGACCCATAGCACT
CTTGTTTGCTTTGAAAATATTTGTCCAATTGAGTAGCTGCATGCTGTTCCCCCAGGTGTTGT
AACACAACTTTATTGATTGAATTTTAAAGCTACTTATTATAGTTTTATATCCCCCTAACT
ACCTTTTTGTTCCTTCCCTAATTGATTTGTTTTCCCAAGTGTAATTATCATGCGTTTTTA
TATCTTCCCTAATAAGGTGTGGTCTGTTTTGTCTGAACAAAGTGCTAGACTTTCTGGAGTGATA
ATCTGGTGACAAATATTCTCTCTGTAGCTGTAAGCAAGTCACTTAATCTTCTACCTCTTTT
TTCTATCTGCCAAATTGAGATAATGATACTTAACCAGTTAGAAGAGGTAGTGTGAATATTAA
TTAGTTTATATTACTCTTATTCTTTGAACATGAACATATGCCTATGTAGTGTCTTTATTTGCT
CAGCTGGCTGAGACACTGAAGAAGTCACTGAACAAAACCTACACACGTACCTTCATGTGATT
CACTGCCTTCTCTCTCTACCAGTCTATTTCCACTGAACAAAACCTACACACATACTTCAT
GTGGTTCAGTGCCCTTCTCTCTCTACCAGTCTATTTCCACTGAACAAAACCTACGCACATAC
CTTCATGTGGCTCAGTGCCCTTCTCTCTCTACCAGTCTATTTCCATTCTTTCAGCTGTGTCT
GACATGTTTGTGCTCTGTTCCATTTTAACTGCTCTTACTTTTCCAGTCTGTACAGAATG
CTATTTCACTTGAGCAAGATGATGTAATGGAAAGGGTGTGGCACTGGTGTCTGGAGACCTG
GATTTGAGTCTTGGTGCTATCAATCACCGTCTGTGTTTGGCAAGGCATTTGGCTGCTGTAA
GCTTATTGCTTCATCTGTAAGCGGTGGTTTGTAAATTCCTGATCTTCCCACCTCACAGTGATG
TTGTGGGGATCCAGTGAGATAGAATACATGTAAGTGTGGTTTTGTAAATTTAAAAAGTGCTAT
ACTAAGGGAAAGAATTGAGGAATTAAGTGCATACGTTTTTGGTGTGCTTTTCAAATGTTTGA
AAATAAAAAAATGTTAAG

FIGURE 98

></usr/seqdb2/sst/DNA/Dnaseqs.min/ss.DNA52185

><subunit 1 of 1, 211 aa, 1 stop

><MW: 22744, pI: 8.51, NX(S/T): 1

MANAGLQLLGFI¹LAFLGWIGAI²VSTALPQWRIYSYAGDNIVTAQAMYEGLWMS³CVSQSTGQI⁴
QCKVFDSLNL⁵SSTLQATRALMVVGILLGVIAIFVATVGMKCMKCLEDDEVQKMRMAVIGGA⁶
IFLLAGLAILVATAWYGNRIVQEFYDPMTPV⁷NARYEFGQALFTGWAAASLCLLGALLCCSC⁸
PRKTT⁹SYPTPRPYPKPAPSSGKDYV

Important features:

Signal peptide:

amino acids 1-21

Transmembrane domains:

amino acids 82-102, 118-142 and 161-187

N-glycosylation site.

amino acids 72-75

PMP-22 / EMP / MP20 family proteins

amino acids 70-111

ABC-2 type transport system integral membrane protein

amino acids 119-133